

# Una revisión sistemática de los patógenos virales y bacterianos de aves silvestres en Chile

## A systematic revision of viral and bacterial pathogens of free-ranging wild birds in Chile

Daniel González-Acuña<sup>1\*</sup> Dr. Med. Vet. y Sebastián Llanos-Soto<sup>1,2</sup> M.V.

<sup>1</sup>Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad de Concepción. Concepción, Chile.

<sup>2</sup>Laboratorio de Vida Silvestre. Departamento de Ciencia Animal. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Concepción, Chile.

Conflictos de intereses: ninguno que declarar

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1170972

Recibido (segunda versión): 15 de noviembre de 2019 / Aceptado: 17 de julio de 2020

### Resumen

El conocimiento acerca de agentes patógenos presentes en aves silvestres es crucial para la apropiada prevención de eventos de transmisión que puedan afectar a la salud pública y animal. Esta revisión sistemática organiza toda la información disponible acerca de los patógenos virales y bacterianos de las aves silvestres chilenas, determina qué patógenos y órdenes de aves han recibido atención reciente por parte de la comunidad científica local, evalúa cambios en la frecuencia de publicación de artículos e identifica brechas en el conocimiento respecto a estos patógenos. Un total de 35 artículos revisados por pares han sido publicados desde enero de 1941 hasta abril de 2019. Agentes virales fueron evaluados en 11 estudios, mientras que 24 concernieron a bacterias. Los artículos científicos se han publicado mayormente de forma discontinua en años previos al 2006. *Salmonella* spp. e influenza aviar han sido los patógenos más estudiados con 10 y 8 estudios, respectivamente. Las regiones de Los Ríos y Valparaíso concentran el mayor número de estudios y no se ha realizado investigación en las regiones de O'Higgins, Maule y Aysén. En general, la información acerca de patógenos en aves silvestres es escasa, por lo que es necesario incrementar los esfuerzos para identificar patógenos portados por reservorios aviares y evaluar el riesgo potencial que pueden representar para la conservación de fauna silvestre, producción animal y el sistema de salud pública en Chile.

*Palabras clave:* aviar; Chile; bacterias; aves; virus; zoonosis.

### Abstract

Knowledge about pathogenic agents present in wild birds is pivotal to properly prevent transmission events that might threaten public and animal health. This systematic review organizes all information available about viral and bacterial pathogens of Chilean wild birds, determines which pathogens and avian orders have received attention from the local scientific community, evaluates changes in the frequency of article publication, and identifies gaps in knowledge regarding these pathogens. A total of 35 peer-reviewed publications have been published from January 1941 through April 2019. Viral agents were evaluated in 11 studies, while 24 involved bacteria. Article publication has been mostly discontinuous in years prior to 2006. *Salmonella* spp. and avian influenza have been the most studied pathogens with 10 and 8 studies, respectively. Los Ríos and Valparaíso regions concentrate the highest number of studies and no research has been carried out in O'Higgins, Maule, and Aysén regions. Overall, information about pathogens in wild birds is scarce, highlighting the need for increased effort to identify pathogens being carried by avian reservoirs and evaluate the potential threat that they might pose for wildlife conservation, animal production, and the public health system in Chile.

*Keywords:* avian; Chile; birds; bacteria; virus; zoonoses.

### Correspondencia a:

Daniel González Acuña  
danigonz@udec.cl

## Introducción

Las enfermedades infecciosas en fauna silvestre están emergiendo de forma acelerada y pueden tener consecuencias importantes para la conservación de las especies, ya que pueden afectar la aptitud física individual y conducir a una mayor mortalidad<sup>1,2</sup>. La interacción entre la fauna silvestre, los animales domésticos y los humanos puede permitir el establecimiento de nuevas enfermedades infecciosas en poblaciones previamente no infectadas, evento conocido como *spillover* (derrame)<sup>3</sup>. La transmisión de patógenos desde animales domésticos a la fauna silvestre es un evento frecuente que podría tener consecuencias negativas para la conservación de las especies de vida silvestre<sup>4</sup>. Esto es particularmente importante para aquellas especies consideradas en peligro de extinción que sufren efectos antrópicos, tales como el cambio climático, la sobre-explotación, la contaminación y la pérdida y fragmentación del hábitat, casos en que los brotes de enfermedades infecciosas pueden tener graves consecuencias para sus poblaciones<sup>3,5</sup>. En algunos casos, los patógenos de animales silvestres pueden transmitirse a los seres humanos, hecho que produce importantes consecuencias para la salud pública<sup>6,7</sup>. Así mismo, las aves silvestres pueden transmitir patógenos a la fauna doméstica y a humanos debido a que tienen la capacidad de diseminar, en cortos períodos de tiempo, patógenos por áreas geográficas amplias, lo cual puede desencadenar epizootias relevantes<sup>8</sup>.

Actualmente, las zoonosis de fauna silvestre se consideran una de las amenazas crecientes más destacables para la salud mundial<sup>7</sup>. En este sentido, las especies aviares han sido extremadamente relevantes para la emergencia de enfermedades infecciosas en los seres humanos<sup>9</sup>. Un ejemplo notable de esto son los brotes de influenza que se han producido a lo largo de la historia de la humanidad y que, en la mayoría de los casos, se originaron en aves acuáticas<sup>10</sup>. Por lo anterior, el análisis de enfermedades infecciosas en especies de aves silvestres es crucial, no sólo para su conservación, sino también para la prevención de eventos de *spillover* que podrían amenazar la salud pública en el futuro.

Los objetivos de esta revisión fueron 1) organizar y clasificar toda la información disponible sobre patógenos virales y bacterianos de las aves silvestres chilenas; 2) evaluar qué patógenos y órdenes aviares se han estudiado en el país y cuáles han recibido poca o ninguna atención por parte de la comunidad científica local; 3) evaluar el número de artículos publicados en el período de 1941 a 2019 referidos a patógenos virales y bacterianos en la vida silvestre chilena, y 4) determinar qué regiones de Chile concentran la mayor y la menor cantidad de estudios relacionados con patógenos virales y bacterianos en fauna silvestre.

## Material y Métodos

Se incluyeron en el estudio especies de aves nativas e introducidas de vida libre. Los estudios sobre animales domésticos y animales mantenidos en cautiverio en zoológicos, centros de exposición y granjas no fueron incluidos en esta revisión. También se excluyeron las publicaciones referidas al territorio antártico chileno, ya que otros trabajos se han centrado en este tema<sup>11,12</sup>. Las aves se consideraron chilenas cuando su distribución reproductiva o en reposo se encontraba dentro del territorio chileno, incluidas Rapa Nui e islas oceánicas. Las especies cuya distribución está restringida a la Antártica y las islas sub-antárticas (es decir, *Pygoscelis adeliae* y *Aptenodytes forsteri*) o su presencia en Chile ha sido esporádica o restringida a un solo registro (por ejemplo, *Streptoprocne zonaris*, *Porphyrio martinicus*, *Mycteria americana*) fueron excluidas de esta revisión. Además, un organismo bacteriano o viral fue clasificado como patógeno e incluido en esta revisión si había información disponible en la literatura científica que indicaba su capacidad para causar enfermedades en animales, humanos o ambos. Así mismo, en esta revisión sólo se incluyeron publicaciones revisadas por pares y se excluyeron los datos entregados por medio de literatura gris (es decir, libros, tesis, resúmenes en conferencias científicas y/o seminarios).

La búsqueda y listado de artículos científicos revisados por pares que evalúan la presencia de patógenos virales y bacterianos en aves chilenas fue realizada siguiendo las indicaciones de la declaración de Elementos de informe preferidos para revisiones sistemáticas y meta-análisis PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses)<sup>13</sup>.

Las publicaciones científicas revisadas por pares sobre patógenos virales y bacterianos en aves silvestres chilenas se recopilaron en los buscadores académicos Google Scholar (<https://scholar.google.cl/>), Scielo Scientific Library (<http://www.scielo.org/>) y PubMed (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/>). Las búsquedas se realizaron utilizando las siguientes palabras claves: “aviar”, “aves silvestres” Y “*Actinobacter*”, “adenovirus”, “ántrax”, “arbovirus”, “bacterias”, “*Chlamydomphila*”, “*Chlamydia*”, “*Clostridium*”, “virus de la anemia del pollo”, “circovirus”, “coronavirus”, “plaga del pato”, “*Erysipelothrix*”, “*Escherichia coli*”, “*Helicobacter*”, “herpesvirus”, “enfermedad infecciosa de la bursa”, “Gumboro” “influenza”, “*Listeria*”, “*Mycobacterium*”, “*Mycoplasma*”, “Newcastle”, “papillomavirus”, “paramixovirus”, “*Pasteurella*”, “polyomavirus”, “poxvirus”, “retrovirus”, “*Salmonella*”, “tularemia”, “viral”, “virus”, “virus del Nilo Occidental” Y “Chile”. Estos mismos términos fueron traducidos al inglés para realizar la búsqueda de artículos científicos en literatura publicada en ese idioma.

Esta revisión consideró todas las publicaciones existentes en la literatura científica, en este caso desde enero de 1941 hasta abril de 2019.

La información recopilada de las publicaciones seleccionadas se organizó en un archivo hoja Excel (Microsoft® Excel 2010) con datos sobre la especie hospedadora aviar, la prevalencia de patógenos, las técnicas de diagnóstico y la caracterización de patógenos. Esto último considera la variante antigénica, el linaje genético, el serogrupo o la localización de serovares, dependiendo del análisis empleado durante el estudio. Sin embargo, es importante considerar que algunos estudios, particularmente aquellos más antiguos, no presentaban este tipo de información.

Los estudios científicos que realizaron análisis moleculares de infecciones confirmadas previamente también se incluyeron en esta revisión. Las publicaciones que no estaban disponibles para descargar en línea fueron buscadas físicamente por los autores o solicitadas por correo electrónico a bibliotecarios en las bibliotecas de la Universidad de Chile, la Pontificia Universidad Católica de Chile, la Universidad Austral y la Universidad de Concepción.

## Resultados

Los resultados de la búsqueda arrojaron un total de 35 publicaciones revisadas por pares que incluían el estudio de patógenos virales y/o bacterianos en aves silvestres chilenas. Se recopiló información para 11 estudios que evaluaron agentes virales, mientras que 24 se referían a bacterias. Los detalles sobre cada patógeno incluido en la revisión se detallan en la Tabla 1. El agente viral más estudiado fue la influenza aviar con ocho artículos científicos. En el caso de las bacterias, *Salmonella* spp. se abordó en diez artículos, mientras que *Campylobacter* spp. se evaluó en seis estudios. Las publicaciones sobre patógenos virales y bacterianos en aves silvestres chilenas han sido, en su mayoría, discontinuas en los años anteriores a 2006, con una ausencia de estudios entre los años 1991 a 1994 y 2000 a 2005. Los artículos sobre virus se han mantenido bajos a lo largo de los años, con un máximo de dos publicaciones en los años 2012 y 2015.

Se investigaron patógenos en un total de 40 especies de aves incluidas en los órdenes Charadriiformes [n: 11], Anseriformes [n: 7], Strigiformes [n: 4], Suliformes [n: 3], Accipitriformes [n: 2], Cathartiformes [n: 3], Columbiformes [n: 2], Pelecaniformes [n: 2], Falconiformes [n: 2], Sphenisciformes [n: 2], Passeriformes [n: 1] y Gruiformes [n: 1]. De todos los estudios sobre patógenos bacterianos incluidos en esta revisión, 11 se relacionaron con Charadriiformes, cuatro con Sphenisciformes, los órdenes Columbiformes y Suliformes se incluyeron en

tres estudios cada uno, en Anseriformes y Passeriformes dos estudios cada uno, y sólo un estudio ha sido realizado en los órdenes Pelecaniformes, Accipitriformes, Falconiformes, Strigiformes y Gruiformes (Figura 1). En el caso de estudios con virus, tres estudios incluyeron Charadriiformes, dos estudios abarcan a los Cathartiformes y Anseriformes, y Columbiformes, Pelecaniformes, Accipitriformes, Falconiformes, Strigiformes, Gruiformes y Suliformes se evaluaron en un solo estudio (Figura 2). Los Passeriformes están ampliamente presentes en los entornos naturales y urbanos de Chile y pertenecen a más de la mitad de las especies presentes en Chile; sin embargo, la única especie estudiada de este orden fue el gorrión (*Passer domesticus*)<sup>14,15</sup>.

El orden Charadriiformes ha recibido gran atención en Chile con 13 publicaciones científicas que han evaluado ocho tipos de patógenos. Las gaviotas dominicanas y las gaviotas Franklin son las especies más estudiadas, cada una con siete estudios que han analizado patógenos bacterianos y dos estudios que han evaluado virus. El orden Columbiformes se ha evaluado en cinco estudios, mientras que Anseriformes y Falconiformes se han incluido en cuatro publicaciones. El resto de los órdenes de aves presentes en Chile fueron evaluadas en tres o menos estudios científicos. En ningún estudio sobre enfermedades infecciosas se han incluido especies de los órdenes Rheiformes, Phoenicopteriformes, Tinamiformes, Podicipediformes, Procellariiformes, Phaethontiformes, Ciconiiformes, Galliformes, Psittaciformes, Cuculiformes, Caprimulgiformes, Apodiformes, Coraciiformes y Piciformes.

Las regiones con más estudios en el país han sido la Región de Los Ríos y Valparaíso, con ocho estudios cada una. También se han realizado investigaciones en las siguientes regiones: Biobío [n: 7], Arica y Parinacota [n: 5], Metropolitana [n: 4], Coquimbo [n: 3], Magallanes [n: 3], Ñuble [n: 3], Araucanía [n: 2], Antofagasta [n: 2], Tarapacá [n: 1], Atacama [n: 1] y Los Lagos [n: 1]. No se han realizado estudios en las regiones de O'Higgins, Maule y Aysén.

El análisis molecular y la serología fueron los métodos más utilizados para la identificación y caracterización de patógenos virales, con cinco estudios para cada método. Sólo un estudio ha utilizado métodos histopatológicos para determinar la presencia de un patógeno viral (viruela aviar)<sup>16</sup>. El cultivo bacteriano, utilizado en 17 estudios, ha sido el método más usado para el reconocimiento de patógenos bacterianos. En contraste, los métodos moleculares se utilizaron en 12 estudios, seis de los cuales los utilizaron en combinación con cultivos bacterianos y sólo un estudio utilizó combinación de cultivos bacterianos, histopatología y métodos moleculares. Sólo un estudio realizó serología para evaluar la exposición a *Chlamydia* (*Chlamydophila*) *psittaci* en palomas<sup>17</sup>.

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile							
Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Atadenovirus</b>	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		0/104	Los Ríos	PCR y secuenciación	69
<b>Aviadenovirus</b>	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		8/104 (7,7%)	Los Ríos	PCR y secuenciación	69
<b>Viruela aviar (Poxvirus)</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de Hemoaglutinación Indirecta (HAI)	78
		Jote de cabeza colorada <i>Cathartes aura</i>		1/1	Antofagasta	Histología	65
	Columbiformes	Torcaza <i>Patagioenas australis</i>		1/3 (33,3%)	Los Lagos	Análisis macroscópico e histopatología	16
<b>Anemia infecciosa aviar</b>	Pelecaniformes	Bandurria <i>Theristicus melanopus</i>		0/3	Araucanía	PCR	79
<b>Herpesvirus 1 aviar (Herpesvirus)</b>	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		4/104 (3,8%)	Los Ríos	PCR anidado y secuenciación	69
<b>Gammacoronavirus (Coronavirus)</b>	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		21/104 (20,2%)	Los Ríos	PCR y secuenciación	69
<b>Enfermedad infecciosa de la bursa</b>	Pelecaniformes	Bandurria <i>Theristicus melanopus</i>		0/3	Araucanía	Seroneutralización	79
<b>Influenza A</b>	Anseriformes	Pato real <i>Anas sibilatrix</i>	Cepa H5N2	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación de genoma	33
	Anseriformes	Pato doméstico <i>Anas platyrhynchos</i>	Cepas H4N2, H5Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación de genoma	33
	Anseriformes	Pato jergón grande <i>Anas georgica</i>		No especificada	Valparaíso	RT-PCR en tiempo real	31
	Anseriformes	Pato jergón chico <i>Anas flavirostris</i>	Cepas H1N1, H4N2, H4N6, H5N3, H6N3 y H5Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación de genoma	33
Anseriformes	Pato jergón chico <i>Anas flavirostris</i>	Cepas H1N1, H7N3, H7N6, H5Nx, H6Nx, H7Nx y H8Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación de genoma	33	

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Influenza A</b>	Anseriformes	Tagua <i>Fulica armillata</i>		No especificada	Valparaíso	RT-PCR en tiempo real	31
	Charadriiformes	Playero ártico <i>Calidris canutus</i>		0/100	No especificada	Prueba de hemoaglutinación (HA)	80
	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de Hemoaglutinación Indirecta (HAI)	78
	Charadriiformes	Pilpilén <i>Haematopus palliatus</i>	Cepa H9N2	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación del genoma	33
	Charadriiformes	Perrito <i>Himantopus mexicanus</i>	Cepa H11N9	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación	33
	Charadriiformes	Pilpilén negro <i>Haematopus ater</i>	Cepa H9Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación del genoma	33
	Charadriiformes	Chorlo ártico <i>Pluvialis squatarola</i>	Cepa H9N7	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación del genoma	33
	Charadriiformes	Zarapito <i>Numenius phaeopus</i>	Cepa H9Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación del genoma	33
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Cepa H13N2	2/5 (40%)	Atacama	PCR en tiempo real de transcripción reversa (rRT-PCR), aislamiento viral, test de neuroaminidasa y hemoaglutinina y secuenciación del genoma	31
			Cepa H13N9	1/45 (2,22%)	Arica y Parinacota	PCR en tiempo real de transcripción reversa (rRT-PCR), aislamiento viral, test de neuroaminidasa y hemoaglutinina y secuenciación del genoma	31
			Cepa H13Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación del genoma	33
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Cepa H5N9	1/31 (3,45%)	Valparaíso	RT-PCR en tiempo real de transcripción reversa, aislamiento viral, test de hemoaglutinación, aislamiento viral, test de inhibición de la hemoaglutinina y neuroaminidasa, secuenciación del genoma	31
	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Cepa H13Nx	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación	33
				0/100	Metropolitana	Ensayo de inmunodifusión en gel agar	48

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)								
Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia	
<b>Influenza A</b>	Accipitriformes	Águila <i>Geranoaetus melanoleucus</i>		0/3	Metropolitana	Ensayo de inmunodifusión en gel agar y ELISA	70	
	Falconiformes	Carancho <i>Caracara plancus</i>		0/2	Metropolitana	Ensayo de inmunodifusión en gel agar y ELISA	70	
	Gruiformes	Tagua de frente roja <i>Fulica ruffifrons</i>	Cepa H3N6	No especificada	No especificada	PCR en tiempo real, aislamiento de virus y secuenciación	33	
	Pelecaniformes	Bandurria <i>Theristicus melanopis</i>		0/3	Araucanía	Ensayo de inmunodifusión en gel agar	79	
	Strigiformes	Lechuza blanca <i>Tyto alba</i>		0/1	Metropolitana	Ensayo de inmunodifusión en gel agar y ELISA	70	
		Tucúquere <i>Bubo magellanicus</i>		0/7	Ñuble, Metropolitana	Ensayo de inmunodifusión en gel agar y ELISA	70	
		Nuco <i>Asio flammeus</i>		0/1	Ñuble	Ensayo de inmunodifusión en gel agar y ELISA	70	
	<b>Newcastle (Paramyxovirus-1)</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de la inhibición de la hemoaglutinación (HAI)	78
		Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		22/100 (22%)	Metropolitana	Prueba de la inhibición de la hemoaglutinación (HAI)	48
		Accipitriformes	Águila <i>Geranoaetus melanoleucus</i>		3 positivos	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (IHA)	70
Falconiformes		Carancho <i>Caracara plancus</i>		2 positivos	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (IHA)	70	
Strigiformes		Lechuza blanca <i>Tyto alba</i>		1 positivo	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (IHA)	70	
Strigiformes		Tucúquere <i>Bubo magellanicus</i>		7 positivos	Ñuble, Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (IHA)	70	
Strigiformes		Nuco <i>Asio flammeus</i>		1 positivo	Ñuble	Prueba de hemoaglutinación indirecta (IHA)	70	
Suliformes		Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		0/104	Los Ríos	PCR y secuenciación del genoma	69	
<b>Paramyxovirus-2</b>		Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HAI)	78
<b>Paramyxovirus-3</b>		Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HAI)	78
<b>Paramyxovirus-4</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HAI)	78	

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Paramyxovirus-5</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	78
<b>Paramyxovirus-6</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	78
<b>Paramyxovirus-7</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	78
<b>Paramyxovirus-7</b>	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		0/100	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	48
<b>Paramyxovirus-8</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	78
<b>Paramyxovirus-9</b>	Cathartiformes	Cóndor <i>Vultur gryphus</i>		0/34*	Metropolitana	Prueba de hemoaglutinación indirecta (HA)	78
<b>Reovirus</b>	Pelecaniformes	Bandurria <i>Theristicus melanopis</i>		0/3	Araucanía	Seroneutralización	79
<b>Siadenovirus</b>	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		0/104	Los Ríos	PCR y secuenciación de genoma	69
<b>Arcobacter butzleri</b>	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		4/60 (6,7%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15
	Pelecaniformes	Pelicano <i>Pelicanus thagus</i>		760 (13,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15
<b>Arcobacter sp.</b>	No especificado	Especies no identificadas		0/2	Los Ríos	Cultivo bacteriano y PCR	81
<b>Campylobacter coli</b>	Anseriformes	Cisne de cuello negro <i>Cygnus melanocoryphus</i>	Biovar I (0), Biovar II (1)	1/2 (50%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
	Falconiformes	Tiuque <i>Phalcoeboenus chimango</i>	Biovar I, Biovar II	0/114	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>	Biovar I, Biovar II	0/100	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		9/75 (12%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Biovar I, Biovar II	0/104	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia	
<b>Campylobacter coli</b>	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Biovar I (8), Biovar II	8/46 (17,4%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	58	
	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		8/60 (13,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15	
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Biovar I (1), Biovar II (1)	2/15 (13,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>	Biovar I (0), Biovar II (1)	1/11 (9,1%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Pelecaniformes	Pelicano <i>Pelicanus thagus</i>		8/60 (13,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15	
	Anseriformes	Pato jergón grande <i>Anas georgica</i>	Biovar I (2), Biovar II (1)	3/46 (6,52%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>		1/5 (20%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bio-químicos	59	
	Charadriiformes	Gaviota austral <i>Larus scoresbii</i>		1/6 (16,7%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bio-químico	59	
	<b>Campylobacter jejuni</b>	Anseriformes	Cisne de cuello negro <i>Cygnus melanocoryphus</i>	Biovar I (0), Biovar II (1), Biovar III (0)	1/2 (50%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Falconiformes	Tiuque <i>Phalcooboenus chimango</i>	Biovar I (4), Biovar II (4), Biovar III (2)	10/114 (8,9%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>	Biovar I (33), Biovar II (11), Biovar III (17)	67/100 (67%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>	Biovar I (21), Biovar II (0)	21/75 (28%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Biovar I (11), Biovar II (3), Biovar III (4)	18/104 (17,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Biovar I (8), Biovar II (2), Biovar III (1)	11/15 (73,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
		Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>	Biovar I (6), Biovar II (1), Biovar (2)	9/11 (81,8%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14
Anseriformes		Pato jergón grande <i>Anas georgica</i>	Biovar I (6), Biovar II (8), Biovar III (2)	16/46 (34,8%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
Charadriiformes		Gaviota austral <i>Larus scoresbii</i>		2/6 (33,3%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bio-químico	59	
<b>Campylobacter jejuni subsp. jejuni</b>		Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		10/60 (16,7%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15
		Pelecaniformes	Pelicano <i>Pelicanus thagus</i>		18/60 (30%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia	
<b>Campylobacter lari</b>	Anseriformes	Cisne de cuello negro <i>Cygnus melanocoryphus</i>	Biovar I, Biovar II	0/2	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Falconiformes	Tiuque <i>Phalacroboenus chimaango</i>	Biovar I (1), Biovar II (0)	1/114 (0,9%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>	Biovar I (0), Biovar II (1)	1/100 (1%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Biovar I (1), Biovar II (3)	4/104 (3,8%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		3/60 (5%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15	
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Biovar I (0), Biovar II (3)	3/15 (20%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>	Biovar I (1), Biovar II (0)	1/11 (9,1%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Pelecaniformes	Pelicano <i>Pelicanus thagus</i>		9/60 (15%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15	
	Anseriformes	Pato jergón grande <i>Anas georgica</i>	Biovar I (7), Biovar II (5)	12/46 (26,1%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	14	
	Suliformes	Cormorán imperial <i>Phalacrocorax atriceps</i>		1/2 (50%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bioquímico	59	
	Suliformes	Pato yeco <i>Phalacrocorax olivaceus</i>		1/4 (25%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bioquímico	59	
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>		1/5 (20%)	No especificada	Cultivo bacteriano y test bioquímico	59	
	<b>Campylobacter ornithocola sp. nov.</b>	No especificado	Especies sin identificar	Cepas WBE 215, WBE 241, WBE 206, WBE 196 y WBE 39T	17 positivos	Los Ríos	Cultivo bacteriano, genotipificación mediante consensos intergénicos repetitivos enterobacterianos (ERIC-PCR), análisis filogenético usando genes 16S rRNA, rpoB, atpA y cpn60 y caracterización genotípica	60
		Passeriformes	Gorrión <i>Passer domesticus</i>		2/60 (3,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15
<b>Campylobacter upsaliensis</b>	Pelecaniformes	Pelicano <i>Pelicanus thagus</i>		2/60	Los Ríos	Cultivo bacteriano	15	
	No especificado	Especies sin identificar		0/2	Los Ríos	Cultivo bacteriano y PCR	82	

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Chlamydia (Chlamydophilia) psittaci</b>	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		11/100 (11%)	Ñuble	ELISA	17
<b>Echerichia coli</b>	Cathartiformes	Jote cabeza negra <i>Coragyps atratus</i>	Enteropatógena (EPEC)	3/30 (10%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	82
	Falconiformes	Tiuque <i>Phalacroboenus chimango</i>		1/1 (100%)	Araucanía	Cultivo bacteriano y test bioquímico	85
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Cepa productora de β-lactamasa (ESBL)	67/124 (54,03%)	Antofagasta	Cultivo bacteriano y test bioquímico, espectrofotometría y PCR	83
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Cepa productora de β-lactamasa (ESBL) (122 aislados de gaviotas): CTX-M-1 (101), CTX-M-1 TEM (19), CTX-M-1 SHV (2), CTX-M-9 (2), CTX-M-9 TEM (2), CTX-M-9 SHV (2). Tipos de replicación: HI2 (1), I1 (31), N (3), FIA (4), FIB (22), Y (14), P (1), FIC (4), A/C (0), FII (35), K (0), B/O (0). Tipos ST : ST 2136 (1), ST135 (1), ST131 (3), ST2135 (1), ST357 (1), ST1170 (1), ST127 (1), ST1722 (2), ST169 (1), ST38 (2), ST405 (1), ST70 (1), ST349 (1), ST1571 (1), ST1850 (1), ST1718 (1), ST351 (1), ST1106 (3), ST101 (1), ST1779 (1), ST1717 (1), ST847 (1), ST1086 (1), ST56 (1), ST1720 (1), ST641(1), ST1724 (1), ST278 (1), ST1723 (1), ST398 (2), ST1711 (1), ST46 (1), ST1728 (1), ST1303 (1), ST1433 (1), ST399 (2), ST1726 (1), ST540 (1), ST206 (1), ST48 (3), ST1731 (1), ST1714 (2), ST93 (3), ST1715 (1), ST1721 (1), ST216 (2), ST1434 (2), ST34 (1), ST617 (2), ST167 (3), ST1716 (1), ST 1713 (1), ST10 (10), ST1712 (1), ST1725 (1), ST367 (3), ST164 (1), ST155 (1), ST58 (1), ST1494 (1), ST1780 (1), ST448 (1), ST1079 (2), ST1727 (1), ST906 (2), ST1719 (1), ST54 (2).	267/372 (30,1%)	Valparaíso y Biobío	Cultivo bacteriano, test bioquímico, análisis de MALDI/TOF, PCR multiple en tiempo real, tipificación multilocus de secuencias (MLST) y tipificación mediante replicación de plásmidos.	49

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<i>Escherichia coli</i>	Strigiformes	Concón <i>Strix rupestris</i>	Cepa productora de β-lactamasa (ESBL): CDR401, blaCTX-M-8. Resistencia a metales: tetA, copD, cpxA, cueO, cusA, cutA, cutC, cutE, cutF, tehA, corA, mgta, zntT, zntR, znuA, modC, mnth, nikA, rcaA, ydeP. Resistencia a QACs: mdfA, sugE(G). Plasmidoma: IncFIA, IncI1, IncFIB, IncFIC. Virulome: roN, iss, lpfA, mchF, tsh, gad. ST type: ST345	2/2 (100%)	Biobío	Cultivo bacteriano, análisis de MALDI/TOF, método de difusión con disco (antibiograma), método de difusión en caldo, test de sinergia de doble disco, secuenciación del genoma	46
	Strigiformes	Tucúquere <i>Bubo magellanicus</i>	Cepa productora de β-lactamasa (ESBL): CDR391, blaCTX-M-8. Mutaciones QRDR: parC (Ser57Thr). Resistencia a metales: cueO, cueR, cusA, cutE, tehA, corA, corB, mgta, znuA, zntR, zraS, fecD, modC. Resistencia a QACs: mnth, mdfA, sugE(G). Plasmidoma: IncI1, IncFIB, IncFIC. Viruloma: ellA, gad, iron, iss, lpfA, mchF, tsh. ST type: Novel ST	2/2 (100%)	Ñuble	Cultivo bacteriano, análisis de MALDI/TOF, método de difusión con disco (antibiograma), método de difusión en caldo, test de sinergia de doble disco, secuenciación del genoma	46
	Strigiformes	Tucúquere <i>Bubo magellanicus</i>	Cepa productora de β-lactamasa (ESBL): CDR398B, blaCTX-M-8. Resistencia a metales: cueO, cutC, cutE, cutF, tehA, corA, corB, mgta, zntT, zntA, zntR, znuA, zraS, zur, pfr, fecD, modC, mntR. Resistencia a AQCs: emiE, mdfA, sugE(G). Plasmidoma: IncFIA, IncI1, IncFIB. Viruloma: ireA, iron, iss, mchBCF, tsh, cba, cma, gad, iha. Tipo ST: ST2705	1/1 (100%)	Ñuble	Cultivo bacteriano, análisis de MALDI/TOF, método de difusión con disco (antibiograma), método de difusión en caldo, test de sinergia de doble disco, secuenciación del genoma	46
<i>Helicobacter valdiviensis</i> sp. nov.	Not specified	Especies sin identificar	Cepas WBE14T y WBE19	2/2 (100%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano, PCR, análisis filogenético usando 16S rRNA, genes gyrB y cpn60 y caracterización fenotípica	81
<i>Listeria monocytogenes</i>	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		0/100	Ñuble	Cultivo bacteriano y test bioquímico	17
<i>Mycobacterium avium avium</i>	Accipitriformes	Peuquito <i>Accipiter chilensis</i>		0/1	Los Ríos	PCR	73
	Accipitriformes	Peuquito <i>Accipiter chilensis</i>		0/1	Los Ríos	PCR	73

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<i>Mycobacterium bovis</i>	Accipitriformes	Pequito <i>Accipiter chilensis</i>		1/1 (100%)	Los Ríos	Histopatología y PCR	73
<i>Mycobacterium sp.</i>	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>		0/60	Biobío	Cultivo bacteriano y test bioquímico	42
<i>Mycobacterium sp.</i>	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>		0/123	Biobío	Cultivo bacteriano y test bioquímico	42
<i>Pasteurella multocida</i>	Sphenisciformes	Pinguino de Humboldt <i>Spheniscus humboldti</i>	Serogrupo A	0/16	Araucanía	PCR	62
	No especificado	Aves marinas sin identificar		?/80	Tarapacá	Cultivo bacteriano y observación microscópica de tómulas sanguíneas	61
<i>Pseudomona auriginosa</i>	Cathartiformes	Jote cabeza negra <i>Coragyps atratus</i>		3/30 (10%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	82
<i>Salmonella enterica</i>	Anseriformes	Piuquén <i>Chloephaga melanoptera</i>	Serotipo Heidelberg	1/14 (7,1%)	Metropolitana	Cultivo bacteriano, test bioquímicos, PCR y tipificación virológica	40
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Serotipo Enteritidis	1/31 (3,4%)	Arica y Parinacota	Cultivo bacteriano, test bioquímicos PCR y tipificación virológica	40
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Serotipo Enteritidis (3), Senftenberger (1)	4/60 (6,7%)	Biobío	Cultivo bacteriano y test bioquímico	42
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Serotipo Enteritidis	9 positivos	Coquimbo y Valparaíso	Secuenciación del genoma y tipificación multilocus de secuencia (MLST)	45
	Charadriiformes	Gaviota garuma <i>Leucophaeus modestus</i>	Serotipo Havana	1/39 (2,6%)	Arica y Parinacota	Cultivo bacteriano, test bioquímicos PCR y tipificación virológica	40
	Charadriiformes	Gaviota garuma <i>Leucophaeus modestus</i>	Serotipo Havana ST588	1 positivo	Arica y Parinacota	Secuenciación del genoma y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	41
	Sphenisciformes	Pinguino de Humboldt <i>Spheniscus humboldti</i>	Serotipo Agona ST13	3 positivos	Magallanes	Secuenciación del genoma y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	41
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipo Enteritidis (31), Anatum (1), Heidelberg (3), Agona (1), Infantis (1), Senftenberg (4), Dublin (1), Grupo B (1)	43/676 (6,4%)	Arica y Parinacota (8), Coquimbo (100), Valparaíso (253) y Biobío (25)	Cultivo bacteriano, test bioquímicos, PCR, tipificación virológica	40

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Salmonella enterica</b>	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipo Enteritidis (18), Senftenberger (11), Anatum (3), Infantis (4)	31/123 (25,2%)	Biobío	Cultivo bacteriano y test bioquímicos	42
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipos Agona ST13 (1), Dublin ST10 (1), Heidelberg ST15 (2), Infantis ST32 (3), Seftenberg ST14 (5), Paratyphi B (1)	13 positivos	Valparaíso (8) y Biobío (5)	Secuenciación del genoma, tipificación multilocus de secuencias (MLST)	41
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipo Enteritidis	1 positivo	Arica y Parinacota	Secuenciación del genoma, tipificación multilocus de secuencias (MLST)	45
	Sphenisciformes	Pinguino de Magallanes <i>Spheniscus magellanicus</i>	Serotipos Enteritidis (4) y Agona (3)	8 positivos	Magallanes	Cultivo bacteriano, test bioquímicos, PCR, tipificación virológica y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	47
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipo Enteritidis	28 positivos	Coquimbo (11), Valparaíso (11) y Biobío (6)	Cultivo bacteriano, test bioquímicos, PCR, tipificación virológica y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	44
	Sphenisciformes	No se especifican las especies	Serotipo Enteritidis	1 positivo	Magallanes	Cultivo bacteriano, test bioquímicos, PCR, tipificación virológica y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	44
	Strigiformes	Tucúquere <i>Bubo magellanicus</i>	Cepa productora de β-lactamase (ESBL): Ser. Infantis, CDR398A, blaCTX-M-65, aph(3')-Ia, aph(4)-Ia, aadA1, aac(6')Iaa, aac(3)-IVa, floR, sul1, tetA, dfrA14. Mutaciones QRDR: gyrA (Asp87Tyr). Resistencia a metales: cutE, goIT, corA, corB, mgta, pitA, zitB, zntA, zntR, zras, zur, fieF, modC, mnth, merA. Resistencia a QACs: qacEA1, qacE, mdfa. Plasmidoma: IncFIB. Viruloma: fimCDFHI, lpfABCDE, bcfABCDEFG, avrA, invABCEFGHIJ, orgABC, pipBB2, prgHIJK, sicAP, sifAB, sipABCD, slrP, sopABDD2E2, spaOPQRS, spIC, sptP, ssaCDEGHJKLMNO-PQRSTUV, sscAB, sseABCDE-FGHIK2L, sspH2, steABC, irp1, irp2, fyuA, ybtAEPQSTUX, misL, sinH, mig-14, mgtBC, csqACDE-FG. Tipo ST: ST32	1/1 (100%)	Biobío	Cultivo bacteriano, análisis de MALDI/TOF, método de difusión con disco (antibiograma), método de difusión en caldo, test de sinergia de doble disco, secuenciación del genoma	46
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Serotipo Enteritidis	1 positivo	Arica y Parinacota	Cultivo bacteriano, test bioquímico, PCR, tipificación virológica y tipificación multilocus de secuencias (MLST)	44

Tabla 1. Patógenos bacterianos y virales de las aves silvestres de Chile (Continuación)

Patógeno y/o enfermedad	Orden del hospedador	Hospedador	Caracterización del patógeno	Prevalencia positivos/analizados (porcentaje)	Región	Técnica de diagnóstico	Referencia
<b>Salmonella</b> sp.	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>	Grupo B (3), Grupo D (2)	3/100 (3%)	Metropolitana	Cultivo bacteriano	48
	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		4/100 (4%)	Ñuble	Cultivo bacteriano	17
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>		30/40 (75%)	Biobío	PCR en tiempo real	43
	Charadriiformes	Gaviota de Franklin <i>Larus pipixcan</i>	Serotipo Enteritidis	12/40 (30%)	Biobío	PCR en tiempo real	43
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>		89/160 (54%)	Biobío	PCR en tiempo real	43
	Charadriiformes	Gaviota dominicana <i>Larus dominicanus</i>	Serotipo Enteritidis	48/160 (30%)	Biobío	PCR en tiempo real	43
	<b>Serratia odorifera</b>	Charadriiformes	Fardela de Pascua <i>Puffinus nativitatis</i>	Biotipo I, cepa productora de β-lactamase (ESBL)	1/22 (4,5%)	Valparaíso	Cultivo bacteriano, test bioquímicos y test de difusión del doble disco
Suliformes		Piquero blanco <i>Sula dactylatra</i>	Biotipo I, cepa productora de β-lactamasa (ESBL)	1/22 (4,5%)	Valparaíso	Cultivo bacteriano, test bioquímicos y test de difusión del doble disco	84
<b>Staphylococcus aureus</b>	Cathartiformes	Jote cabeza negra <i>Coragyps atratus</i>		31/30 (96,6%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	82
	Columbiformes	Paloma <i>Columba livia</i>		8/100 (8%)	Ñuble	Cultivo bacteriano y test bioquímico	17
<b>Streptococcus faecalis</b>	Cathartiformes	Jote cabeza negra <i>Coragyps atratus</i>		1/30 (3,3%)	Los Ríos	Cultivo bacteriano	82

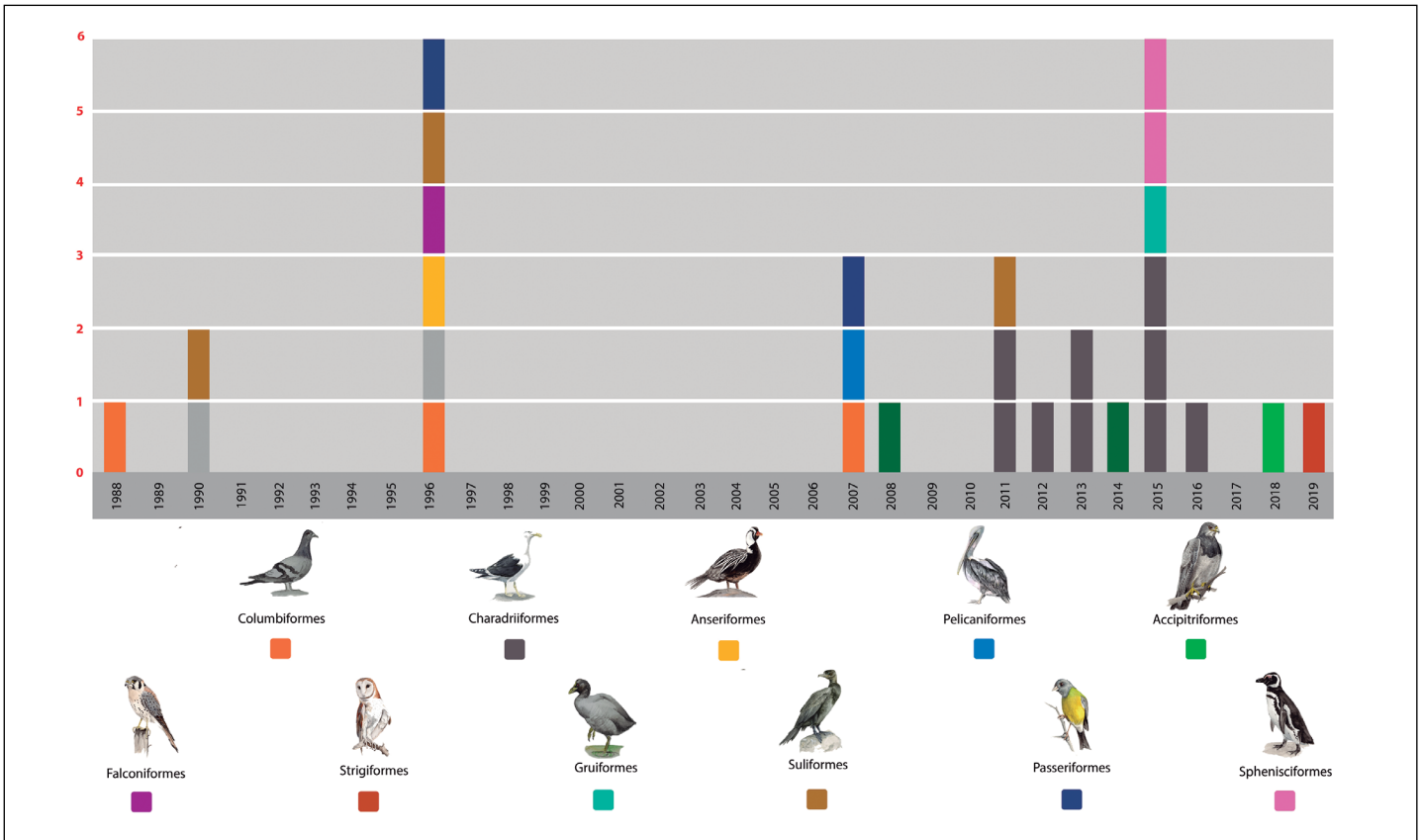


Figura 1. Número de estudios científicos que han evaluado la presencia de patógenos bacterianos en especies de aves silvestres en Chile desde 1988 hasta 2019.

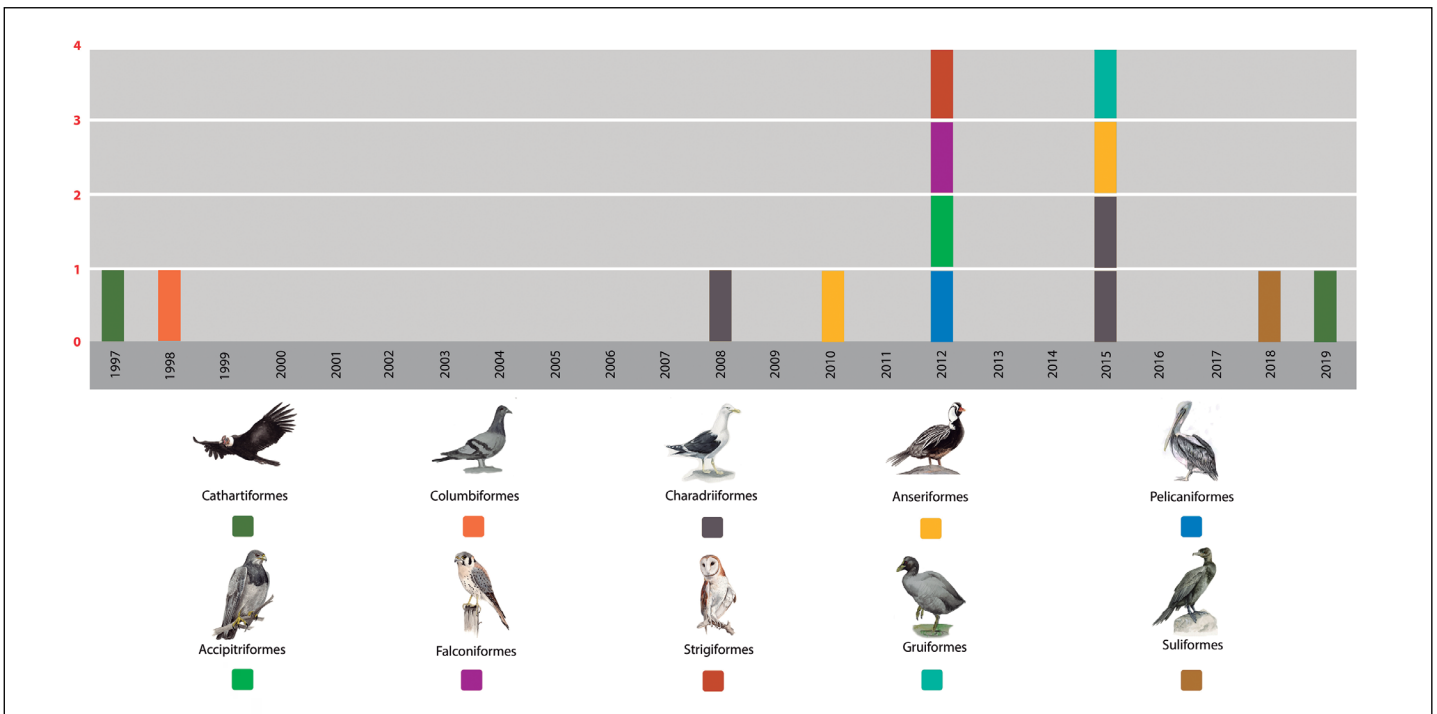


Figura 2. Número de estudios científicos que han evaluado la presencia de patógenos virales en especies de aves silvestres en Chile desde 1997 hasta 2019.

## Discusión

La comunidad científica en Chile se ha centrado en evaluar patógenos en aves silvestres que representan una amenaza para la salud humana y los sistemas de producción animal, tales como influenza aviar y *Salmonella* spp. En contraste, los agentes patógenos restringidos a las especies de aves silvestres han sido ignorados en su mayoría con sólo unas pocas excepciones.

A pesar de haber sido publicada en una revista revisada por pares, la información contenida en Bullock (1956)<sup>18</sup> sobre el ántrax en jotes de cabeza colorada (*Cathartes aura*) y los jotes de cabeza negra (*Coragyps atratus*), se consideró anecdótica e imprecisa, por lo que se excluyó de esta revisión.

### Influenza aviar

La influenza aviar es un virus de la familia *Orthomyxoviridae*, considerado un patógeno extremadamente relevante para la salud pública, la producción animal y la conservación de la vida silvestre<sup>19,20</sup>. Las aves silvestres generalmente actúan como reservorios de los virus de la influenza aviar de baja patogenicidad (LPAIV) y, en algunos casos, también pueden participar en el mantenimiento de los virus de la influenza aviar de alta patogenicidad (HPAIV)<sup>20,21</sup>. Las aves acuáticas, tanto aves dulceacuicolas como aves marinas, son los reservorios más comunes de virus de influenza aviar en todo el mundo<sup>22</sup>. La transmisión del virus de aves acuáticas a los animales domésticos y humanos podría significar un rápido cambio evolutivo para el virus a través de la recombinación (es decir, la mezcla de genes de dos o más virus de influenza aviar) y conducir a brotes de enfermedades<sup>23</sup>.

Los primeros brotes de influenza aviar en América del Sur ocurrieron en una granja de pollos de engorda en Chile en mayo de 2002<sup>24</sup>. Este brote fue considerado un LPAI del subtipo H3N7 que se cree que se originó a partir de aves acuáticas, aunque la fuente específica no fue confirmada<sup>24</sup>. Un año antes del brote en Chile, se identificó un aislado estrechamente relacionado con la influenza aviar en el pato colorado (*Spatula cyanoptera*) de Bolivia, lo que sugiere que el virus podría haber viajado a Chile a través de un ave migratoria y luego diseminarse a las especies locales<sup>25,26</sup>. En junio de 2002, se produjo un segundo brote en la misma granja avícola, pero esta vez el antiguo virus LPAI adquirió características de un virus de alta patogenicidad IAAP, causando importantes pérdidas económicas y perjudicando la salud pública en el país<sup>24,27</sup>. Otro evento de brote de influenza aviar se produjo en granjas de pavos en Chile en 2009, con aves que mostraron síntomas similares a un LPAI<sup>28</sup>. Recientes hallazgos han demostrado que las aves silvestres, en efecto, transmiten la influenza aviar

a las aves de corral en Chile, particularmente en los sistemas productivos de pato<sup>29</sup>. Jiménez-Bluhm y cols., (2019)<sup>30</sup> determinan que el origen del foco de LPAI registrado a fines de 2016 en pavos domésticos en la Región de Valparaíso proviene de aves silvestres. Ellos logran caracterizar propiedades genéticas y antigénicas del virus y realizan una transmisión experimental en gallinas de abasto.

Hasta la fecha, los únicos estudios que informaron la presencia del virus de la influenza aviar en aves silvestres chilenas fueron realizados por Mathieu y cols. (2015)<sup>31</sup>, y Jiménez-Bluhm y cols. (2018)<sup>33</sup>. En ambos casos, los diagnósticos fueron hechos por técnicas moleculares y, en el caso del estudio de Mathieu y cols., se realizó además aislamiento viral (Tabla 1). En la última década se ha encontrado este virus en diferentes años y localidades, por lo que es importante el estudio continuo de este virus ya que puede diseminarse a poblaciones productivas tal como lo detallan Mathieu y cols. (2019)<sup>32</sup>. Los resultados de sus contribuciones indican la presencia de influenza aviar en gaviotas Franklin's (*Larus pipixcan*), gaviotas dominicanas (*Larus dominicanus*)<sup>31</sup>, pilpilén (*Haematopus palliatus*), perrito (*Himantopus mexicanus*), pilpilén negro (*Haemantopus ater*), pato real (*Anas sibilatrix*), chorlo ártico (*Pluvialis squatarola*), pato de collar (*Anas platyrhynchos*), tagua de frente roja (*Fulica ruffifrons*), zarapito (*Numenius phaeopus*), pato jergon grande (*Anas georgica*) y pato jergon chico (*Anas flavirostris*)<sup>33</sup>. Los aislados encontrados en aves distribuidas en el norte de Chile fueron genéticamente similares a los que circulan en aves acuáticas del este, centro y oeste de América del Norte. Sin embargo, una amplia variedad de subtipos de virus de influenza aviar presentes en aves silvestres del centro y sur de Chile eran exclusivas de América del Sur, lo que llevó a Jiménez-Bluhm y cols. (2018)<sup>33</sup>, a sugerir que el número de linajes de influenza de América del Norte podría disminuir en latitudes más altas. El país se considera libre de influenza aviar altamente patogénica, no obstante, en los últimos años se ha visto afectado por diferentes brotes de virus influenza de baja patogenicidad.

### *Salmonella* spp

*Salmonella* es un patógeno zoonótico de importancia para la salud pública en todo el mundo, responsable de alrededor de 1.300 millones de casos de enfermedad entérica en humanos cada año<sup>34</sup>. Las aves generalmente actúan como portadores asintomáticos de *Salmonella*; sin embargo, se han registrado casos de mortalidad en pequeños passeriformes<sup>35</sup>. En Chile, casos de *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis comenzaron a registrarse en 1994; sin embargo, la gran mayoría de los diagnósticos de diferentes serotipos de *Salmonella* han sido realizados a partir del año 2011 y actualmente

están incluidos en el programa nacional de vigilancia, tanto en animales domésticos como en humanos<sup>36</sup>. Los serovares de *Salmonella* prevalentes en el país son Enteritidis y Typhimurium, aunque en la mayoría de los casos el agente causal no ha sido identificado<sup>37,38</sup>. Los programas de vigilancia en animales se centran principalmente en sistemas avícolas intensivos y no consideran la evaluación de *Salmonella* en animales silvestres<sup>37</sup>. Este hecho resulta preocupante debido a la importancia que tienen las aves silvestres en el mantenimiento de *Salmonella* en el medio ambiente y su papel en la transmisión a los animales domésticos y humanos<sup>39</sup>.

Estudios de aves silvestres chilenas han encontrado *Salmonella* en el piquén (*Chloephaga melanoptera*)<sup>40</sup>, gaviota garuma (*Leucophaeus modestus*)<sup>40,41</sup>, gaviota Franklin (*Larus pipixcan*)<sup>40,42,43,44,45</sup>, pingüino de Humboldt (*Spheniscus humboldti*)<sup>41</sup>, pingüino de Magallanes (*Spheniscus magellanicus*)<sup>47</sup>, gaviotas dominicanas (*Larus dominicanus*)<sup>40,41,42,43,44,45</sup>, tucúquere (*Bubo magellanicus*)<sup>46</sup>, y la paloma (*Columbia livia*)<sup>17,48</sup>. Las prevalencias de esta bacteria en las distintas aves varían de 2,6 a 75% y las técnicas más frecuentemente usadas han sido cultivo bacteriano y reacción de polimerasa en cadena (RPC) con secuenciación de genomas (Tabla 1). El serovar de *Salmonella* reportado con más frecuencia fue Enteritidis<sup>40,42,43,46</sup>, pero los serovares Agona, Anatum, Havana, Heidelberg, Infantis, Senftenberg y Dublín también fueron documentados<sup>40,42,47</sup>. La evidencia molecular reveló que las aves marinas actúan como reservorios de cepas de *S. Enteritidis* resistentes a los antimicrobianos y, posiblemente, transmiten este patógeno a las aves de corral y humanos en Chile<sup>44,45</sup>. También se ha encontrado resistencia a los antimicrobianos en *Salmonella* spp en colonias de pingüinos de Magallanes en la Patagonia chilena y en aves acuáticas en el norte y centro de Chile<sup>40,47</sup>. Además, las gaviotas de Franklin que pasan el invierno en la costa chilena transportan *Escherichia coli* resistente a antimicrobianos, en una proporción mayor que los congéneres del hemisferio norte<sup>49,50</sup>. Un estudio más reciente, determinó que los búhos del centro de Chile podrían actuar como reservorios ambientales de bacterias resistentes, incluyendo *Salmonella enterica* serovar Infantis altamente virulenta, que produce ESBL resistente a una amplia variedad de antimicrobianos, metales pesados y desinfectantes<sup>46</sup>. Diferentes estudios indican que las actividades antropogénicas en áreas naturales y urbanas, como el turismo y la contaminación debida a la eliminación inadecuada de desechos y el tratamiento de aguas residuales, pueden resultar en la liberación de *Salmonella* resistente a los antimicrobianos al medio ambiente, exponiendo a las aves silvestres a infecciones con el riesgo de transmisión a especies co-existent<sup>47,49,51</sup>.

### **Campylobacter**

Las aves silvestres son reservorios importantes de *Campylobacter* spp, patógeno zoonótico que causa gastroenteritis en humanos en todo el mundo<sup>52</sup>. La bacteria no produce daño en aves silvestres y habita en su tracto gastrointestinal como un comensal<sup>53</sup>. Su principal mecanismo de transmisión a los seres humanos es a través de la ingestión de alimentos contaminados de origen animal, particularmente aves de corral<sup>54</sup>. Las aves silvestres pueden jugar un papel en la transmisión de *Campylobacter* spp. al entrar en contacto con granjas de animales y propagar el patógeno por medio de sus excrementos y/o a través de la contaminación de fuentes de agua<sup>55,56</sup>. También existe riesgo de transmisión a humanos en áreas urbanas donde las aves silvestres mantienen el patógeno<sup>57</sup>.

Se han aislado cuatro especies de *Campylobacter* en aves silvestres chilenas: *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter upsaliensis* y *Campylobacter lari*<sup>14,15,58,59</sup>. Los registros de *Campylobacter* han sido realizados durante los últimos 30 años, principalmente utilizando cultivos bacterianos y, en su mayoría, por el mismo grupo de investigación<sup>14,15,58,59</sup>. Más recientemente, *Campylobacter ornithocola* sp. nov. se describió como una nueva especie aislada de aves urbanas en Chile<sup>60</sup>. La información sobre el papel de las aves silvestres en la transmisión de *Campylobacter* a las aves de corral y los seres humanos en Chile es actualmente inexistente. Se han analizado diferentes especies de aves frente a esta bacteria y las prevalencias, por lo mismo, han sido muy variables, oscilando entre 0 y 100% (ver Tabla 1).

### **Patógenos aviarios desatendidos en Chile**

Esta sección enumera los patógenos de aves que han recibido poca o ninguna atención por parte de la comunidad científica en Chile, pero que son relevantes para la salud pública, la conservación de la vida silvestre o la producción animal.

El primer estudio sobre patógenos en aves silvestres en Chile fue realizado por García y Lagunas en 1941<sup>61</sup> e incluyó la evaluación del cólera aviar (*Pasteurella multocida*) en aves marinas, aunque no se mencionan nombres específicos de aves infectadas. Después de este estudio, se evaluó la presencia de *P. multocida* en pingüinos de Humboldt (*Spheniscus humboldti*), pero no se encontró individuo infectado alguno<sup>62</sup>. Esta bacteria ha causado eventos de muertes masivas en aves coloniales en otros lugares y podría tener consecuencias importantes para ciertas especies<sup>63</sup>. La información disponible sobre el cólera aviar en Chile está desactualizada y es necesario investigar la presencia de este patógeno en las poblaciones de aves silvestres, particularmente en las especies de aves acuáticas<sup>64</sup>. De manera similar, la viruela aviar (poxvirus) se identificó en la torcaza (*Patagioenas araucana*, un

positivo de 3 analizados) y el jote de cabeza colorada (*Cathartes aura*, un individuo analizado) mediante evaluación macroscópica e histopatología<sup>16,65</sup>. La viruela aviar es capaz de causar una alta mortalidad y morbilidad en algunas aves, en particular los columbiformes<sup>66</sup>. Sin embargo, los casos de poxvirus aviar se han descrito de forma poco frecuente en el país y no hay información sobre el efecto de este patógeno en las poblaciones afectadas.

La enfermedad de Newcastle (paramixovirus-1 aviar, APV-1) causa importantes pérdidas económicas para la industria avícola en todo el mundo cada año<sup>67</sup>. No se han documentado casos de enfermedad de Newcastle en Chile desde 1977<sup>68</sup>. Actualmente, el país se encuentra en una favorable condición sanitaria, declarándose libre de este virus con vacunación con virus vivo. El APV-1 fue prospectado en cormoranes neotropicales (*Phalacrocorax brasilianus*) aplicando métodos moleculares, sin embargo, no se encontró animal alguno infectado con el virus<sup>69</sup>. Los paramixovirus aviares están probablemente presentes en aves silvestres, ya que los estudios evidenciaron la exposición a diferentes tipos (incluido APV-1) en palomas<sup>48</sup>, águila (*Geranoaetus melanoleucus*), caracara (*Caracara plancus*), lechuza blanca (*Tyto alba*), tucuquere (*Bubo magellanicus*) y nuco (*Asio flammeus*)<sup>70</sup>.

*Listeria monocytogenes* ha sido escasamente investigada en Chile y no hay estudios que evalúen otros patógenos cosmopolitas relevantes en aves silvestres, tales como *Erysipelothrix rhusiopathiae* y *Clostridium perfringens*, a pesar de su importancia para la salud pública<sup>71,72</sup>. La tuberculosis aviar (complejo *Mycobacterium avium*) no se ha detectado en aves silvestres en Chile, y recientemente se realizó un estudio en rapaces sin registrar animales positivos a la infección<sup>73</sup>. Esta enfermedad no plantea riesgos para los seres humanos sanos; sin embargo, podría ser una amenaza para pacientes intensamente inmunocomprometidos al ser éstos susceptibles a la infección<sup>74</sup>.

*Chlamydia psittaci* es un patógeno presente en aves psitaciformes y capaz de causar la psittacosis en humanos<sup>75</sup>. A pesar de esto, ha sido ampliamente ignorado en

Chile ya que no existen estudios dirigidos de *C. psittaci* en aves silvestres, particularmente en especies nativas de Psittaciformes. Un solo estudio, realizado en Chillán, ha documentado la exposición a este patógeno en 11% de las palomas capturadas en entornos urbanos que fueron incluidas en este estudio (diagnosticadas por ELISA)<sup>16</sup>. Las actividades ilegales, como el comercio y la tenencia de animales silvestres, ponen en riesgo la salud humana debido al potencial contacto con animales silvestres infectados y la amenaza de transmisión de enfermedades zoonóticas<sup>74</sup>. Estas actividades ilegales son un conflicto recurrente para las autoridades chilenas y constituyen un problema de salud pública relevante, tanto para los infractores como para las autoridades de inspección (Servicio Agrícola y Ganadero, SAG)<sup>77</sup>. Por esta razón, los estudios destinados a evaluar la presencia de *C. psittaci* y otros patógenos en aves psitaciformes confiscadas y en libertad, así como determinar el riesgo de exposición humana a estos patógenos, corresponden a estudios de relevancia que permiten salvaguardar la salud humana en Chile.

## Conclusiones

La información sobre la mayoría de las enfermedades infecciosas en Chile es insuficiente. Sólo en los últimos años algunos patógenos en aves silvestres, como influenza aviar y *Salmonella* spp, han recibido más atención de la comunidad científica, ya que se han realizado estudios moleculares detallados para caracterizar mejor los agentes virales y bacterianos de estos patógenos. Sin embargo, es necesario un mayor esfuerzo para identificar correctamente los agentes patógenos presentes en las aves silvestres y el impacto potencial que podrían tener en su salud. Además, es extremadamente importante evaluar el papel de las aves silvestres como reservorio de patógenos que podrían representar una amenaza para la producción animal y los sistemas de salud pública en Chile.

*Agradecimientos.* Agradecemos al proyecto FONDECYT n° 1170972.

## Referencias bibliográficas

- 1.- Scott M E. The impact of infectious disease on animal populations, implications for conservation biology. *Cons Biol* 1988; 2: 40-65. doi: 10.1111/j.1523-1739.1988.tb00334.x.
- 2.- Daszak P, Cunningham A A, Hyatt A D. Emerging infectious diseases of wildlife-threats to biodiversity and human health. *Science* 2000; 287 (5452): 443-9. doi: 10.1126/science.287.5452.443.
- 3.- Smith K F, Sax D F, Lafferty K D. Evidence for the role of infectious disease in species extinction and endangerment. *Conserv Biol* 2006; 20: 1349-57. doi: 10.1111/j.1523-1739.2006.00524.x.
- 4.- Pedersen A B, Jones K E, Nunn C L, Altizer S A. Infectious diseases and extinction risk in wild mammals. *Conserv Biol* 2007; 21 (5): 1269-79. doi: 10.1111/j.1523-1739.2007.00776.x.
- 5.- Epstein P R. Climate change and emerging infectious diseases. *Microbes Infect* 2001; 3 (9): 747-54. doi: 10.1016/S1286-4579(01)01429-0.
- 6.- Binder S, Levitt A M, Sacks J J, Hughes J M. Emerging infectious diseases: public health issues for the 21st century. *Science* 1999; 284 (5418): 1311-13. doi: 10.1126/science.284.5418.1311.
- 7.- Jones K E, Patel N G, Levy M A, Storeygard A, Balk D, Gittleman J L, Daszak P. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 2008; 451: 990-3. doi: 10.1038/nature06536.
- 8.- Fuller T, Bensch S, Muller I, Novembre J, Pérez-Tris J, Ricklefs R E, et al. The ecology of emerging infectious diseases in migratory birds: an assessment of the role of climate change and priorities for future research. *Ecohealth* 2012; 9 (1): 80-8. doi: 10.1007/s10393-012-0750-1.

- 9.- Reed K D, Meece J K, Henkel J S, Shukla S K. Birds, migration and emerging zoonoses: West Nile virus, Lyme disease, influenza A and enteropathogens. *Clin Med Res* 2003; 1 (1): 5-12. doi: 10.3121/cmr.1.1.5.
- 10.- Reid A H, Taubenberger J K, Fanning T G. Evidence of an absence: the genetic origins of the 1918 pandemic influenza virus. *Nat Rev Microbiol* 2004; 2 (11): 909-14. doi: 10.1038/nrmicro1027.
- 11.- Barbosa A, Palacios M J. Health of Antarctic birds: a review of their parasites, pathogens and diseases. *Polar Biol* 2009; 32 (8): 1095. doi: 10.1007/s00300-009-0640-3.
- 12.- Kerry K R, Riddle M. Health of Antarctic wildlife: a challenge for science and policy. Springer Science & Business Media. New York. 2009.
- 13.- Moher D, Liberati A, Tetzlaff J, Altman DG. Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses: the PRISMA statement. *Ann Intern Med* 2009; 151 (4): 264-9. doi: 10.7326/0003-4819-151-4-200908180-00135.
- 14.- Fernández H, Gesche W, Montefusco A, Schlatter R. Wild birds as reservoir of thermophilic enteropathogenic *Campylobacter* species in southern Chile. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 1996; 91 (6): 699-700. doi: 10.1590/S0074-027619960006000007.
- 15.- Fernández H, Vera F, Villanueva M P. Especies de *Arcobacter* y *Campylobacter* en aves y mamíferos del sur de Chile. *Arch Med Vet* 2007; 39 (2): 163-5. doi: 10.4067/S0301-732X2007000200011.
- 16.- Cubillos A, Schlatter R, Cubillos V. Diftero viruela aviar en torcaza (*Columba araucana*, Lesson) del Sur de Chile. *Zentralblatt für Veterinärmedizin Reihe B* 1979; 26 (5): 430-2. doi: 10.1111/j.1439-0450.1979.tb00834.x.
- 17.- González-Acuña D, Silva F, Moreno L, Cerda F, Donoso S, Cabello J, et al. Detección de algunos agentes zoonóticos en la paloma doméstica (*Columba livia*) en la ciudad de Chillán, Chile. *Rev Chilena Infectol* 2007; 24 (3): 199-203. doi: 10.4067/S0716-10182007000300004.
- 18.- Bullock DS. Vultures as disseminators of anthrax. *The Auk* 1956; 73 (2): 283-4. doi: 10.2307/4081485.
- 19.- Suarez DL. Evolution of avian influenza viruses. *Vet Microbiol* 2000; 74 (1-2): 15-27. doi: 10.1016/S0378-1135(00)00161-9Get.
- 20.- Sturm-Ramirez K M, Hulse-Post D J, Govorkova E A, Humberd J, Seiler P, Puthavathana P, et al. Are ducks contributing to the endemicity of highly pathogenic H5N1 influenza virus in Asia? *J Virol* 2005; 79 (17): 11269-79. doi: 10.1128/JVI.79.17.11269-11279.2005.
- 21.- Clark L, Hall J. Avian influenza in wild birds: status as reservoirs, and risks to humans and agriculture. *Ornithol Monogr* 2006; 2006 (60): 3-29. doi: 10.2307/40166825.
- 22.- Webster RG, Bean WJ, Gorman OT, Chambers TM, Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev* 1992; 56 (1): 152-79. PMID: 1579108.
- 23.- Li K S, Guan Y, Wang J, Smith G J D, Xu K M, Duan L, et al. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 2004; 430: 209-13. doi: 10.1038/nature02746.
- 24.- Suárez D L, Senne D A, Banks J, Brown I H, Essen S C, Lee C W, et al. Recombination resulting in virulence shift in avian influenza outbreak, Chile. *Emerg Infect Dis* 2004; 10: 693-9. doi: 10.3201/eid1004.030396.
- 25.- Spackman E, McCracken K G, Winker K, Swayne D E. H7N3 Avian influenza virus found in a South American wild duck is related to the Chilean 2002 poultry outbreak, contains genes from equine and North American wild bird lineages, and is adapted to domestic turkeys. *J Virol* 2006; 80(15): 7760-4. doi: 10.1128/JVI.00445-06.
- 26.- Beato M S, Capua I. Transboundary spread of highly pathogenic avian influenza through poultry commodities and wild birds: a review. *Rev Sci Tech Off Int Epizoot* 2011; 30 (1): 51-61. doi: 10.20506/rst.30.1.2013.
- 27.- Rojas H, Moreira R, Avalos P, Capua I, Marangon S. Avian influenza in poultry in Chile. *Vet Rec* 2002; 151 (6): 188. PMID: 12201269.
- 28.- Mathieu C, Moreno V, Retamal P, González A, Rivera A, Fuller J, et al. Pandemic (H1N1) 2009 in breeding turkeys, Valparaíso, Chile. *Emerg Infect Dis* 2010; 16(4): 709-11. doi: 10.3201/eid1604.091402.
- 29.- Jiménez-Bluhm P, Di Pillo F, Bahl J, Osorio J, Schultz-Cherry S, Hamilton-West C. Circulation of influenza in backyard productive systems in central Chile and evidence of spillover from wild birds. *Prev Vet Med* 2018; 153: 1-6. doi: 10.1016/j.pvetmed.2018.02.018.
- 30.- Jiménez-Bluhm P, Bravo-Vásquez N, Torchetti M, Killian M, Livingston B, Herrera J, et al. Low pathogenic avian influenza (H7N6) virus causing an outbreak in commercial Turkey farms in Chile. *Emerg Infect Dis* 2019; 8: 479-85. doi: 10.1080/22221751.2019.1595162.
- 31.- Mathieu C, Moreno V, Pedersen J, Jeria J, Agredo M, Gutiérrez C, et al. Avian influenza in wild birds from Chile, 2007-2009. *Virus Res* 2015; 199: 42-45. doi: 10.1016/j.virusres.2015.01.008.
- 32.- Mathieu C, González A, García A, Johow M, Badia C, Jara C, et al. H7N6 low pathogenic avian influenza outbreak in commercial turkey farms in Chile caused by a native South American lineage. *Transbound Emerg Dis* 2019; 1-11. doi: 10.1111/tbed.13166.
- 33.- Jiménez-Bluhm P, Karlsson E A, Freiden P, Sharp B, Pillo F, Osorio J E, et al. Wild birds in Chile harbor diverse avian influenza A viruses. *Emerg Microbes Infect* 2018; 7 (1): 1-4. doi: 10.1038/s41426-018-0046-9.
- 34.- Coburn B, Grassl G A, Finlay B B. *Salmonella*, the host and disease: A brief review. *Immunol Cell Biol* 2007; 85 (2): 112-8. doi: 10.1038/sj.icb.7100007.
- 35.- Daust P Y, Busby D G, Ferns L, Golst J, McBurney S, Poppe C, Whitney H. Salmonellosis in songbirds in the Canadian atlantic provinces during winter-summer 1997-98. *Can Vet J* 2000; 41 (1): 54-9. PMC:1476332.
- 36.- Fernández J, Fica A, Ebensperger G, Calfullan H, Prat S, Fernández A, et al. Analysis of molecular epidemiology of Chilean *Salmonella enterica* serotype Enteritidis isolates by pulsed-field gel electrophoresis and bacteriophage typing. *J Microbiol* 2003; 41(4): 1617-22.
- 37.- Hendriksen R S, Vieira A R, Karlsmose S, Lo Fo Wong D M, Jensen A B, Wegener H C, et al. Global monitoring of *Salmonella* serovar distribution from the World Health Organization Global Foodborne Infections Network Country Data Bank: results of quality assured laboratories from 2001 to 2007. *Foodborne Pathog Dis* 2011; 8 (8): 887-900. doi: 10.1089/fpd.2010.0787.
- 38.- Barreto M, Castillo-Ruiz M, Retamal P. *Salmonella enterica*: una revisión de la trilogía agente, hospedero y ambiente, y su trascendencia en Chile. *Infectol Dia* 2016; 33 (5): 547-57. doi: 10.4067/S0716-10182016000500010.
- 39.- Tauni M A, Österlund A. Outbreak of *Salmonella typhimurium* in cats and humans associated with infection in wild birds. *J Small Anim Pract* 2000; 41(8): 339-41. doi: 10.1111/j.1748-5827.2000.tb03214.x.
- 40.- Fresno M, Barrera V, Gornall V, Lillo P, Paredes N, Abalos P, et al. Identification of diverse *Salmonella* serotypes, virulotypes, and antimicrobial resistance phenotypes in waterfowl from Chile. *Vector Borne Zoonotic Dis* 2013; 13 (12): 884-7. doi: 10.1089/vbz.2013.1408.
- 41.- Toro M, Retamal P, Allard M, Brown E W, Evans P, González-Escalona N. Draft genome sequences of 33 *Salmonella enterica* clinical and wildlife isolates from Chile. *Genome Announces* 2015; 3(2): e00054-15. doi: 10.1128/genomeA.00054-15.
- 42.- López-Martín J, Junod T, Riquelme F, Contreras C, González-Acuña D. Detección de especies de *Salmonella* y *Mycobacterium* en gaviotas dominicanas (*Larus dominicanus*) y gaviotas de Franklin (*Leucophaeus pipixcan*) en la ciudad de Talcahuano, Chile. *Rev Med Chile* 2011; 139 (11): 1496-502. doi: 10.4067/S0034-98872011001100017.

- 43.- Rodríguez F, Moreno J, Ortega R, Mathieu C, García A, Cerda-Leal F, et al. Evidence for Kelp Gulls (*Larus dominicanus*) and Franklin's Gulls (*Leucophaeus pipixcan*) as carriers of *Salmonella* by real-time polymerase chain reaction. *J Wild Dis* 2012; 48 (4): 1105-8. doi: 10.7589/2012-04-104.
- 44.- Retamal P, Fresno M, Dougnac C, Gutiérrez S, Gornall V, Vidal R, et al. Genetic and phenotypic evidence of the *Salmonella enterica* serotype Enteritidis human-animal interface in Chile. *Front Microbiol* 2015; 6: 464. doi: 10.3389/fmicb.2015.00464.
- 45.- Toro M, Retamal P, Ayers S, Barreto M, Allard M, Brown E W, et al. Whole-genome sequencing analysis of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis isolates in Chile provides insights into possible transmission between gulls, poultry, and humans. *Appl Environ Microbiol* 2016; 82 (20): 6223-32. doi: 10.1128/AEM.01760-16.
- 46.- Fuentes-Castillo D, Farfán-López M, Espósito F, Moura Q, Fernandes M R, Lopes R, et al. Wild owls colonized by international clones of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (CTX-M)-producing *Escherichia coli* and *Salmonella* Infantis in the Southern Cone of America. *Sci Total Environ* 2019; 674: 554-62. doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.04.149.
- 47.- Dougnac C, Pardo C, Meza K, Arredondo C, Blank O, Abalos P, et al. Detection of *Salmonella enterica* in Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*) of Chilean Patagonia: evidences of inter-species transmission. *Epidemiol Infect* 2014; 143 (6): 1187-93. doi: 10.1017/S0950268814002052.
- 48.- Toro H, Saucedo C, Borie C, Gough R E, Alcaíno H. Health status of free-living pigeons in the city of Santiago. *Avian Pathol* 1999; 28 (6): 619-623. doi: 10.1080/03079459994416.
- 49.- Hernández J, Johansson A, Stedt J, Bengtsson S, Porczak A, Granholm S, et al. Characterization and comparison of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL) resistance genotypes and population structure of *Escherichia coli* isolated from Franklin's gulls (*Leucophaeus pipixcan*) and humans in Chile. *PLoS one* 2013; 8 (9): e76150. doi: 10.1371/journal.pone.0076150.
- 50.- Bonnedahl J, Stedt J, Waldenström J, Svensson L, Drobni M, Olsen B. Comparison of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL) CTX-M genotypes in Franklin gulls from Canada and Chile. *PLoS One* 2015; 10 (10): e0141315. doi: 10.1371/journal.pone.0141315.
- 51.- Retamal P, Llanos-Soto S, Salas L M, López J, Vianna J, Hernández J, et al. Isolation of drug-resistant *Salmonella enterica* serovar Enteritidis strains in gentoo penguins from Antarctica. *Polar Biol* 2017; 40 (12): 2531-6. doi: 10.1007/s00300-017-2163-7.
- 52.- Humphrey T, O'Brien S, Madsen M. *Campylobacter*s as zoonotic pathogens: a food production perspective. *Int J Food Microbiol* 2007; 117 (3): 237-57. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2007.01.006.
- 53.- Hepworth P J, Ashelford K E, Hinds J, Gould K A, Witney A A, Williams N J, et al. Genomic variations define divergence of water/wildlife associated *Campylobacter jejuni* niche specialists from common clonal complexes. *Environ Microbiol* 2011; 13 (6): 1549-60. doi: 10.1111/j.1462-2920.2011.02461.x.
- 54.- Sheppard S K, Dallas J F, Strachan N J, MacRae M, McCarthy N D, Wilson D J, et al. *Campylobacter* genotyping to determine the source of human infection. *Clin Infect Dis* 2009; 48 (8): 1072-8. doi: 10.1086/597402.
- 55.- Zimmer M, Barnhart H, Idris U, Lee M D. Detection of *Campylobacter jejuni* strains in the water lines of a commercial broiler house and their relationship to the strains that colonized the chickens. *Avian Dis* 2003; 47(1): 101-7. doi: 10.1637/0005-2086(2003)047[0101:DOCI]2.0.CO;2.
- 56.- Keller J I, Shriver W G, Waldenström J, Griekspoor P, Olsen B. Prevalence of *Campylobacter* in wild birds of the mid-Atlantic region, USA. *J Wild Dis* 2011; 47 (3): 750-4. doi: 10.7589/0090-3558-47.3.750.
- 57.- French N P, Midwinter A, Holland B, Collins-Emerson J, Pattison R, Colles F, et al. Molecular epidemiology of *Campylobacter jejuni* isolates from wild-bird fecal material in children's playgrounds. *Appl Environ Microbiol* 2009; 75 (3): 779-83. doi: 10.1128/AEM.01979-08.
- 58.- Fernández H. Species and biotype distribution of the thermotolerant *Campylobacter*s in animal reservoirs in Southern Chile. *Rev Inst Med Trop São Paulo* 1988; 30 (5): 357-60. doi: 10.1590/S0036-46651988000500005.
- 59.- Fernández H, Landskron E, Figueroa G, Gesche W, Montefusco A. *Campylobacter lari*dis: first clinical isolation and identification of reservoir in Chile. *Rev Med Chil* 1990; 118(6): 699-701. PMID: 1775794.
- 60.- Cáceres A, Muñoz I, Iraola G, Díaz-Viraqué F, Collado L. *Campylobacter ornithocola* sp. nov., a novel member of the *Campylobacter lari* group isolated from wild bird faecal samples. *Int J Syst Evol Microbiol* 2017; 67: 1643-9. doi: 10.1099/ijsem.0.001822.
- 61.- García J, Lagunas L. Epidemia de cólera en los patos marinos. *Rev Med Vet (Buenos Aires)* 1941; 23: 145-9.
- 62.- Schlatter R P, Paredes E, Ulloa J, Harris J, Romero A, Vásquez J, et al. Mortandad de pingüino de Magallanes (*Spheniscus magellanicus*) en Queule, Región de la Araucanía, Chile. *Bol Chil Ornitol* 2009; 15(2): 78-86. <http://www.aveschile.cl/wp-content/uploads/2019/03/03.pdf>.
- 63.- Descamps S, Jenouvrier S, Grant Gilchrist H G, Forbes M R. Avian cholera, a threat to the viability of an arctic seabird colony? *PLoS one* 7 (2): e29659 doi 10.1371/journal.pone.0029659.
- 64.- Friend M. Field manual of wildlife diseases. Madison: National Wildlife Health Center; 1999. 425 p.
- 65.- Mora-Carreño M, Guerra-Correa C, Moroni M, Paredes E. Avian pox in a turkey vulture (*Cathartes aura*) from northern Chile. *Austral J Vet Sci* 2019; 51: 41-3. doi: 10.4067/S0719-81322019000100108.
- 66.- Medina F M, Ramírez G A, Hernández A. Avian pox in white-tailed laurel-pigeons from the Canary Islands. *J Wild Dis* 2004; 40(2): 351-5. doi: 10.7589/0090-3558-40.2.351.
- 67.- Dimitrov K M, Afonso C L, Yu Q, Miller P J. Newcastle disease vaccines a solved problem or a continuous challenge? *Vet Microbiol* 2017; 206: 126-36. doi: 10.1016/j.vetmic.2016.12.019.
- 68.- Burbano L A, Van Schaik G, Ernst S, Rojas H. Riesgo de introducción de la enfermedad de Newcastle a Chile por la importación de avestruces. *Arch Med Vet* 2005; 37(1): 55-9. doi: 10.4067/S0301-732X2005000100008.
- 69.- Verdugo C, Pinto A, Ariyama N, Moroni M, Hernández C. Molecular identification of avian viruses in Neotropical cormorants (*Phalacrocorax brasilianus*) in Chile. *J Wild Dis* 2018; 55(1): 105-12.
- 70.- González-Acuña D G, Gaete Á, Moreno L, Ardiles K, Mathieu C, Ortega R. Anticuerpos séricos contra la enfermedad de Newcastle e influenza aviar en aves rapaces de Chile. *Rev MVZ Córdoba* 2012; 17(3): 3118-24. doi: 10.21897/rmvz.210.
- 71.- Robson J M, McDougall R, Van Der Valk S, Waite S D, Sullivan J J. *Erysipelothrix rhusiopathiae*: an uncommon but ever present zoonosis. *Pathology* 1998; 30(4): 391-4. doi: 10.1080/00313029800169686.
- 72.- Tsiodras S, Kelesidis T, Kelesidis I, Bauchinger U, Falagas ME. Human infections associated with wild birds. *J Infect* 2008; 56(2): 83-98. doi: 10.1016/j.jinf.2007.11.001.
- 73.- Moroni M, Salgado M, Albornoz A, Tejada C, Alvarado-Rybak M. Molecular evidence for *Mycobacterium bovis* infection in wild Chilean hawk (*Accipiter chilensis*). *Austral J Vet Sci* 2018; 50(2): 115-7. doi: 10.4067/S0719-81322018000200115.
- 74.- Nightingale S D, Byrd L T, Southern P M, Jockusch J D, Cal S X, Wynne B A. Incidence of *Mycobacterium avium-intracellulare* complex bacteremia in human immunodeficiency virus-positive patients. *J Infect Dis* 1992; 165(6): 1082-5. doi: 10.1093/infdis/165.6.1082.
- 75.- Beeckman D S A, Vanrompoy D C G.

- Zoonotic *Chlamydomydia psittaci* infections from a clinical perspective. Clin Microbiol Infect 2009; 15(1): 11-7. doi: 10.1111/j.1469-0691.2008.02669.x.
- 76.- Karesh W B, Cook R A, Gilbert M, Newcomb J. Implications of wildlife trade on the movement of avian influenza and other infectious diseases. J Wildl Dis 2007; 43(3): S55-S59. [http://globalraptors.org/grin/researchers/uploads/200/wildlife\\_trade.pdf](http://globalraptors.org/grin/researchers/uploads/200/wildlife_trade.pdf).
- 77.- González-Hein G. Estudio serológico de *Chlamydomydia psittaci*, *Salmonella* spp, virus pox aviar, adenovirus y virus polioma en aves del orden psittaciforme en cautiverio en Chile Central [dissertation]. [Santiago]: Universidad de Chile; 2006. 104 p. <http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/130847/Estudio-serol%2c-Salmonella%20spp.%2c-virus-Pox-aviar%2c-adenovirus-y-virus-polioma-en-aves-del-orden-Psittaciforme-en-cautiverio-en-Chile-central.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- 78.- Toro H, Pavez EF, Gough RE, Montes G, Kaleta EF. Serum chemistry and antibody status to some avian pathogens of free living and captive condors (*Vultur gryphus*) of central Chile. Avian Pathol 1997; 26 (2): 339-45. doi: 10.1080/03079459708419216.
- 79.- Seguel M, González-Acuña D, Mathieu C, Hernández C, Paredes E. Immunosuppressive syndrome in juvenile black-faced ibises (*Theristicus melanopsis melanopsis*) in southern Chile. Avian Dis 2012; 56 (3): 611-5. doi: 10.1637/9956-100611-Case.1.
- 80.- Hanson B A, Luttrell M P, Goekjian V H, Niles L, Swayne D E, Senne D A, et al. Is the occurrence of avian influenza virus in Charadriiformes species and location dependent? J Wildl Dis 2008; 44 (2): 351-61. doi: 10.7589/0090-3558-44.2.351.
- 81.- Collado L, Jara R, González S. Description of *Helicobacter valdiviensis* sp. nov., an Epsilonproteobacteria isolated from wild bird faecal samples. Int J Syst Evol Microbiol 2014; 64 (6): 1913-9. doi: 10.1099/ijs.0.057141-0.
- 82.- Schlatter R, Reinhardt G, Burchard L. Estudio del jote (*Coragyps atratus foetens*, Lichtenstein) en Valdivia: Etología carroñera y rol en diseminación de agentes patógenos. Arch Med Vet 1978; 10: 110-27. [https://books.google.cl/books?hl=es&lr=&id=0fiQYfw7xA8C&oi=fnd&pg=PA111&ots=DiXTaiRLFS&sig=papjOsVCjSbKsb4iQruRUzIqN9A&redir\\_esc=y#v=onepage&q&f=false](https://books.google.cl/books?hl=es&lr=&id=0fiQYfw7xA8C&oi=fnd&pg=PA111&ots=DiXTaiRLFS&sig=papjOsVCjSbKsb4iQruRUzIqN9A&redir_esc=y#v=onepage&q&f=false).
- 83.- Báez J, Hernández-García M, Guamparito C, Díaz S, Olave A, Guerrero K, et al. Molecular characterization and genetic diversity of ESBL-producing *Escherichia coli* colonizing the migratory Franklin's gulls (*Leucophaeus pipixcan*) in Antofagasta, North of Chile. Microb Drug Resist 2015; 21 (1): 111-6. doi: 10.1089/mdr.2014.0158.
- 84.- Ardiles-Villegas K, González-Acuña D, Waldenström J, Olsen B, Hernández J. Antibiotic resistance patterns in fecal bacteria isolated from Christmas shearwater (*Puffinus nativitatis*) and masked booby (*Sula dactylatra*) at remote Easter Island. Avian Dis 2011; 55 (3): 486-9. doi: 10.1637/9619-122010-ResNote.1.
- 85.- Seguel M, Moroni M, Gomez M, Hernández C, Paredes E. Bacterial meningoencephalitis in a free Chimango Caracara (*Milvago chimango temucoensis*). Braz J Vet Pathol 2012; 5 (1): 16-9. [https://bjvp.org.br/wp-content/uploads/2015/07/DOWNLOAD-FULL-ARTICLE-4-20881\\_2012\\_3\\_30\\_13\\_45.pdf](https://bjvp.org.br/wp-content/uploads/2015/07/DOWNLOAD-FULL-ARTICLE-4-20881_2012_3_30_13_45.pdf)